ژنتیک نوین
دوره شانزدهم، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۰
صفحه ۲۰۱ - ۱۹۳

مکان‌یابی QTLهای کنترل‌کننده برخی صفات مورفولوژیکی در لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم نان

QTL mapping for some morphological traits in recombinant inbred lines of bread wheat

النا خبیری[۱]، علی اصغری*[۲]، سید ابوالقاسم محمدی[۳]، علی رسولزاده[۴]، مجتبی نور آئین[۵]

۱- دانشجوی دکتری تخصصی اصلاح نباتات مولکولی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۳- استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز

٤- دانشیار، گروه مهندسی آب، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

۵- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه

Khabiri E[1], Asghari A[*2], Mohammadi SA[3], Rasolzadeh A[4], Nouraein M[5]

1- PhD Student of Molecular Plant Breeding, Departement of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili

2- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

3- Professor, Departement of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz

4- Associate Professor, Department of Water Engineering, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

5- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ali.asgharii@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰۳/۰٤ - تاریخ پذیرش: ۱٤۰۰/۰٦/۲۳)

چکیده

به‌منظور شناسایی های کنترل‌کننده صفات مورفولوژیک در گندم نان، ۱٤۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo (زودرس و پاکوتاه به‌عنوان والد پدری با منشاء آمریکا) و ژنوتیپ No.49 (دیررس و پابلند به‌عنوان والد مادری با منشاء سیستان و بلوچستان) به‌همراه والدین مورد مطالعه قرار گرفتند. صفات مورد مطالعه شامل طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله بود. نقشه پیوستگی براساس ۲۰۲ نشانگر (۱۷۷ نشانگر ریزماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون) در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفت که طول نقشه حدود ٦۹۱/۳٦ سانتی‌مورگان با میانگین فاصله ۳/٤۲ بین هر جفت نشانگر بود و ۲۱ کروموزوم گندم نان راپوشش می‌داد. تجزیه QTL بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) انجام شد و برای QTLهای شناسایی شده، اثرات افزایشی برآورد شد. نتایج تجزیه QTL نشان داد که برای ارتفاع بوته طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله یک QTL به‌ترتیب روی کروموزوم‌های 7B، 5A، 3A، 4A و 3A و دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله برر وی کروموزوم‌های 3A و 2D و برای وزن سنبله سه QTL بر روی کروموزوم‌های 2A، 5D و 7D شناسایی و مکان‌یابی شد. در بین QTLهای شناسایی شده QSNS3A بیشترین اثر افزایشی را داشت. برای صفات طول پدانکل، وزن سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه در سنبله اثر افزایشی منفی QTLهای مکان‌یابی شده نشان‌دهنده توارث الل مطلوب در این جایگاه از والد No.49 به نتاج بود. واریانس فنوتیپی توجیه شده توسط این QTLها از ٤/۹۳ تا ۱۳/٦۳ درصد متغیر بود. در این مطالعه تعداد QTLهای شناسایی شده برای خصوصیات مرتبط با سنبله گندم بسیار کم بودند که می‌تواند به‌دلیل تعداد بالای QTLهای با اثر کم، وجود اثرات متقابل و هم‌چنین اثرات محیطی باشد.

واژه‌های کلیدی

اثرات افزایشی
صفات مورفولوژیک
گندم نان
مکان‌یابی
نشانگر

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

مقدمه

گندم یکی از غلاّت و گیاهان زراعی مهم محسوب می‌شود و به‌همراه برنج و ذرت بخش اعظم رژیم غذایی مردم جهان را به خود اختصاص داده است (Zohary and Hopf 2000, Ignaciuk and Mason-D'Croz 2014). این غله با تولید سالانه ۷۴۹ میلیون تن و سطح زیر کشت ۲۲۰ میلیون هکتار اولین غله مهم جهان به‌حساب می‌آید. کشور ایران نیز به‌ترتیب ۱۲ میلیون و ٤۰۰ هزار تن از تولید سالانه و ۵ میلیون و ٤۳۰ هزار هکتار از سطح زیر کشت جهانی را به خود اختصاص داده است (FAOSTAT 2017).

مکان‌یابی ژن‌های کنترل کننده صفات کمی یکی از روش‌هایی است که در دهه اخیر برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی توسعه یافته است. در این روش تفرق همزمان صفت کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می‌شود و در نهایت تعداد ژن‌ها، نوع عمل آن‌ها و میزان اثر هر یک برآورد شده و مکان QTLها روی ژنوم شناسایی می‌شود. از این‌رو می‌توان از نتایج آن در گزینش به کمک نشانگر استفاده کرد (Kato et al. 2000, Liu 2017). مکان‌یابی QTLها نیازمند یک نقشه‌ی پیوستگی از مکان‌های نشانگری چندشکل با پوشش ژنومی کامل و تغییرات صفات کمی در داخل یا بین جمعیت یا نژادها می‌باشد. به‌طور ایده‌آل، مکان‌های نشانگری باید چندشکلی بالایی داشته باشند و لاین‌های والدینی الل‌های مختلفی را در هر مکان ژنی حمل کنند. باید تعداد نشانگر زیاد باشد، تا پوشش ژنومی کامل به‌دست آید و هم‌بارزی باشند. به‌طوری‌که، تمام ژنوتیپ‌های ممکن در یک مکان نشانگری مشخص قابل شناسایی باشند (Falconer and MacKay1996).

روش‌های آماری زیادی برای مکان‌یابی ژن‌های کنترل کننده صفات کمی توسعه یافته است (Li and Chen 2009). یکی از این روش‌های آماری روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب می‌باشد که پایه و اساس آن مکان‌یابی فاصله‌ای است. این روش با جایگذاری دیگر نشانگرهای ژنتیکی در مدل آماری به‌عنوان کوفاکتور، زمانی که مکان‌یابی فاصله‌ای در حال انجام است، صورت می‌گیرد (Zeng 1994). نقشه‌یابی ژنتیکی در گندم در سال ۱۹٦۰ هنگامی که گری هارت بر روی شناسایی و نقشه‌یابی آیزوزیم‌ها مطالعه می‌کرد، آغاز شد. پیوستگی RFLP و نقشه‌های فیزیکی نشان داد که گندم دارای بیش از ۲۰۰۰ نشانگر DNA است (Xie et al. 1993, Gill et al. 1996) که تمام هفت گروه هومیولوگ را در ژنوم گندم پوشش می‌دهند. پیشرفت‌های اخیر در تکنیک‌های نقشه‌یابی ژنوم مبتنی بر PCR، به سیستم‌های جدید نشانگرهای DNA از جمله SSR شتاب بخشید (Tautz et al. 1986). به‌طوری‌که، نشانگرهای SSR سطوح بالایی از چندشکلی را در گندم هگزاپلوئید نسبت به سایر سیستم‌های نشانگری نشان می‌دهند (Röder et al. 1995, Bryan et al. 1997). بهبود صفات مرتبط با عملکرد می‌تواند راه‌کاری قابل توصیه برای افزایش تعداد دانه و شاخص برداشت در گندم باشد (Gaju et al. 2009). بنابراین، مطالعات مختلفی برای شناسایی QTLهای کنترل‌کننده این صفات در گندم انجام گرفته است. Marza et al. (2006) ده QTL برای صفت طول سنبله بر روی کروموزوم‌های 1AL، 1AS، 1B، 2BL، 2BS، 3BL، 4B، 5B، 7ASو 7BS مکان‌یابی کردند. Börner et al. (2002) پژوهش گسترده‌ای برای شناسایی QTLهای مربوط با صفات مورفولوژیکی، عملکرد و کیفیت در جمعیت ITMI انجام دادند. در این تحقیق ۲۱۰ QTL با LOD بالاتر از ۲ تشخیص داده شدند. نامبردگان برای ارتفاع بوته، طول پدانکل و طول خوشه به‌ترتیب ۲۱، ٦ و ۱۰ مکان ژنی شناسایی کردند. Ma et al. (2007) ۱۳٦ لاین اینبرد نوترکیب را مورد بررسی قرار دادند و یک QTL بزرگ اثر بر روی کروموزوم 7D و یک QTL کوچک اثر بر روی کروموزوم‌های 1A، 2D، 4A، 5A و 5B مکان‌یابی کردند. هم‌چنین Chu et al. (2008) یک QTL بر روی کروموزوم 3D، 4A و 5A مکان‌یابی کردند. Cuthbert et al. (2008) پنج QTL بر روی کروموزوم 1A، 2D، 3B، 5A و 7A برای تعداد دانه در سنبله و QTL دیگر برای طول سنبله بر روی کروموزوم 5A مکان‌یابی کردند Sourdille et al. (2003) در سال ۲۰۰۳ در مطالعه مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات مهم زراعی گندم، چهار QTL برای ارتفاع بوته مکان‌یابی کردند. هم‌چنین، Huang et al. (2003) چندین QTL را بر روی کروموزوم‌های 1BL، 2AL، 2DL، 3BS، 4DS، 5DL، 6DL و 7AS برای تعداد سنبله شناسایی کردند. با توجه به اهمیت و نقش صفات مورفولوژیک در تعیین عملکرد نهایی، شناسایی QTLهای مرتبط

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

با این صفات می‌تواند ما را در دستیابی به منابع ژنتیکی با عملکرد بالا راهنمایی کند. بنابراین، مطالعه حاضر به‌منظور مکان‌یابی QTLهای مرتبط با صفات مورفولوژیک در لاین‌های اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره انجام شد.

مواد و روش‌ها

جمعیت متشکل از ۱۴۸ لاین اینبرد نوترکیب گندم نان بهاره حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49 به‌همراه والدین در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفتند. رقم YecoraRojo، زودرس و پاکوتاه به‌عنوان والد پدری با منشاء آمریکا و ژنوتیپ No.49، دیررس و پابلند به‌عنوان والد مادری با منشاء سیستان و بلوچستان می‌باشد (Ehdaie et al. 2016). جمعیت فوق در دانشگاه ریورساید تولید و از طریق قطب علمی اصلاح مولکولی غلات دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز در اختیار این پژوهش قرار گرفت. ارزیابی‌های مزرعه‌ای لاین‌ها به‌همراه والدین، در بهار ۱۳۹۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه محقق اردبیلی انجام شد. این منطقه بر اساس تقسیم‌بندی کوسن دارای اقلیم کوهستانی سرد و معتدل است. بر اساس آمار هواشناسی، این منطقه دارای زمستان‌های بسیار سرد و تابستان‌های معتدل می‌باشد. هر لاین در کرت‌های دو ردیفی به‌طول ۲/۵ متر و فاصله بین ردیف ۲۰ سانتی‌متر با تراکم ۵۰۰ بذر در متر مربع کشت شد. کلیه عملیات داشت شامل کوددهی، وجین علف‌هرز و آبیاری براساس نیاز گیاه انجام شد و در پایان فصل رشد، صفات مورفولوژیکی شامل طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، وزن سنبله و تعداد دانه در سنبله اندازه‌گیری شدند. برای تجزیه QTL از نقشه پیوستگی موجود جمعیت متشمل بر ۱۷۷ نشانگر ریزماهواره و ۵۱ نشانگر رتروترانسپوزون استفاده شد. در این نقشه ۲۰۲ نشانگر در ۳۶ گروه پیوستگی با طول نقشه ۶۹۱/۳۶ سانتی‌مورگان قرار داشتند و ۲۶ نشانگر به هیچ گروه پیوستگی منتسب نشده است. براساس نقشه‌های پیوستگی ارائه شده برای گندم، ۳۴ گروه پیوستی با ۱۹ کروموزوم از ۲۱ کروموزوم گندم مطابقت داشت و متوسط فاصله دو نشانگر مجاور در نقشه برابر ۳/۴۲ سانتی‌مورگان بود (Röder et al. 1995). تجزیه QTL با برنامه WindowsQTL Cartographer V.2.5_009 و بر اساس روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب انجام و برای QTLهای شناسایی شده اثر افزایشی برآورد شد. حداقل LOD برای شناسایی QTLها ۲/۵ در نظر گرفته شد. علاوه بر تعیین جایگاه و میزان اثر هر QTL، واریانس فنوتیپی که توسط هر یک از QTLها (R^2) در یک مدل رگرسیون چندگانه توجیه می‌شد، محاسبه شد.

نتایج و بحث

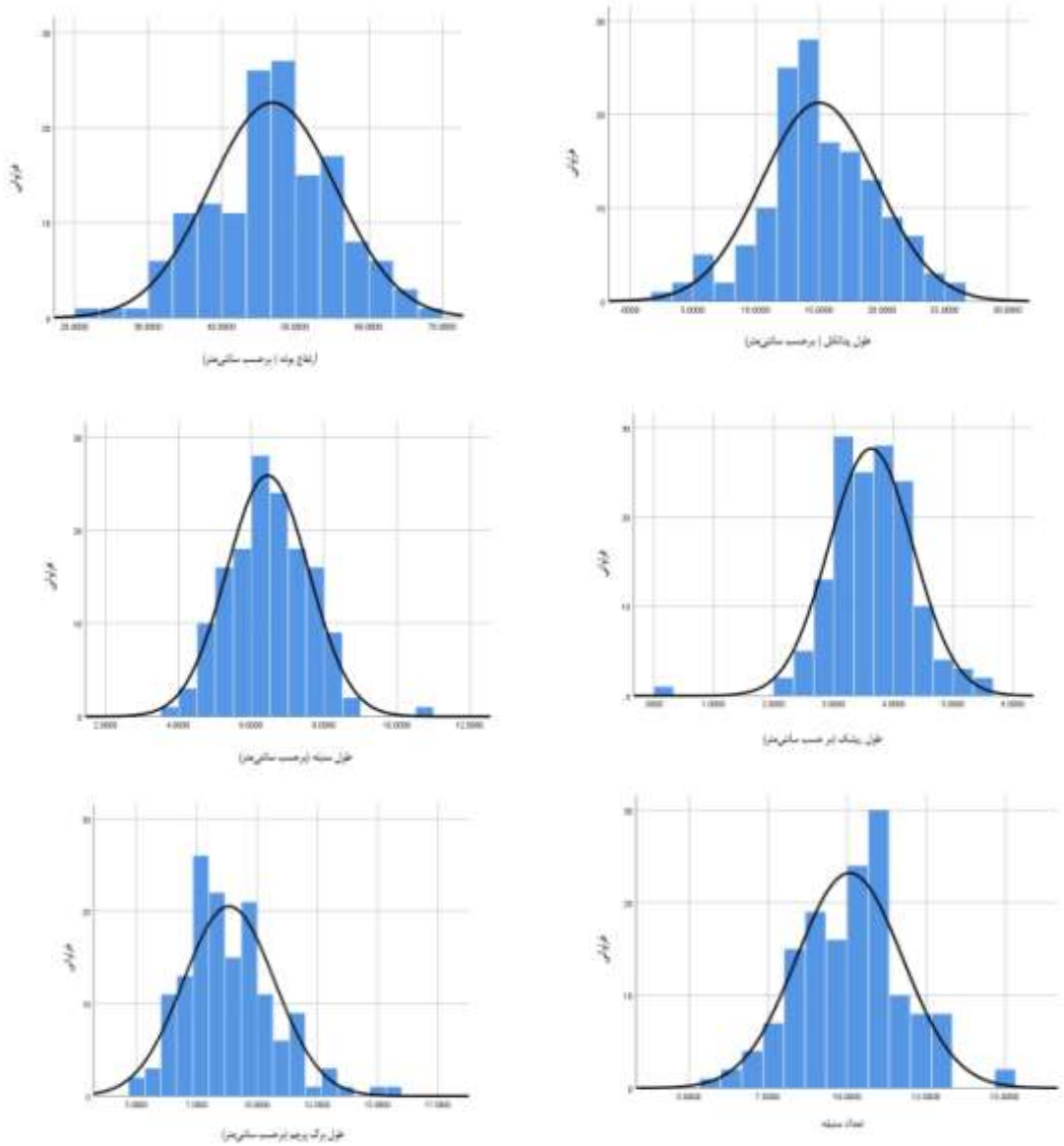
بررسی پارامترهای فنوتیپی (جدول ۱) و توزیع فراوانی صفات مورد ارزیابی (شکل ۱) حاکی از آن بود که همه صفات از تنوع کمّی و پیوسته برخوردار بوده و توزیع نرمال داشتند. زیرا، برای تمامی صفات مقادیر چولگی و کشیدگی منحنی‌های توزیع نرمال (به‌جز طول ریشک و طول برگ پرچم) کمتر از یک بود. نتایج نشان داد که میانگین صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول برگ پرچم، وزن سنبله، تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله برای والد No.49 بیشتر از والد Yecora Rojo بود. ژنوتیپ فوق دیررس و پابلند بوده و می‌تواند طول دوره رشد بیشتری داشته باشد (Ehdaie et al. 2016). این درحالی است که برای صفات طول سنبله، طول ریشک و تعداد سنبله، والد Yecora Rojo میانگین بیشتری نسبت به والد No.49 داشت. این نشان‌دهنده تمایز واضح بین والدین برای صفات مورد مطالعه می‌باشد. در این آزمایش برای برخی صفات تفکیک متجاوز یا تفرق برتر از والدین مشاهده گردید که بیانگر ماهیت کمی صفات است. علاوه بر این، نتایج نشان داد که طول سنبله و طول برگ پرچم لاین‌های اینبرد نوترکیب نسبت به والدین کاهش یافته است. وجود تفکیک متجاوز مثبت و منفی در مطالعات Hamza et al. (2019) نیز با استفاده از جمعیت فوق گزارش شده است.

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی (جدول ۲) با استفاده از نقشه ژنتیکی حاصل از جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه (شکل ۲) انجام شد و تعداد یک QTL برای هر یک از صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله، تعداد دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله و سه QTL برای صفت وزن سنبله و در مجموع ۱۳ QTL شناسایی شد.

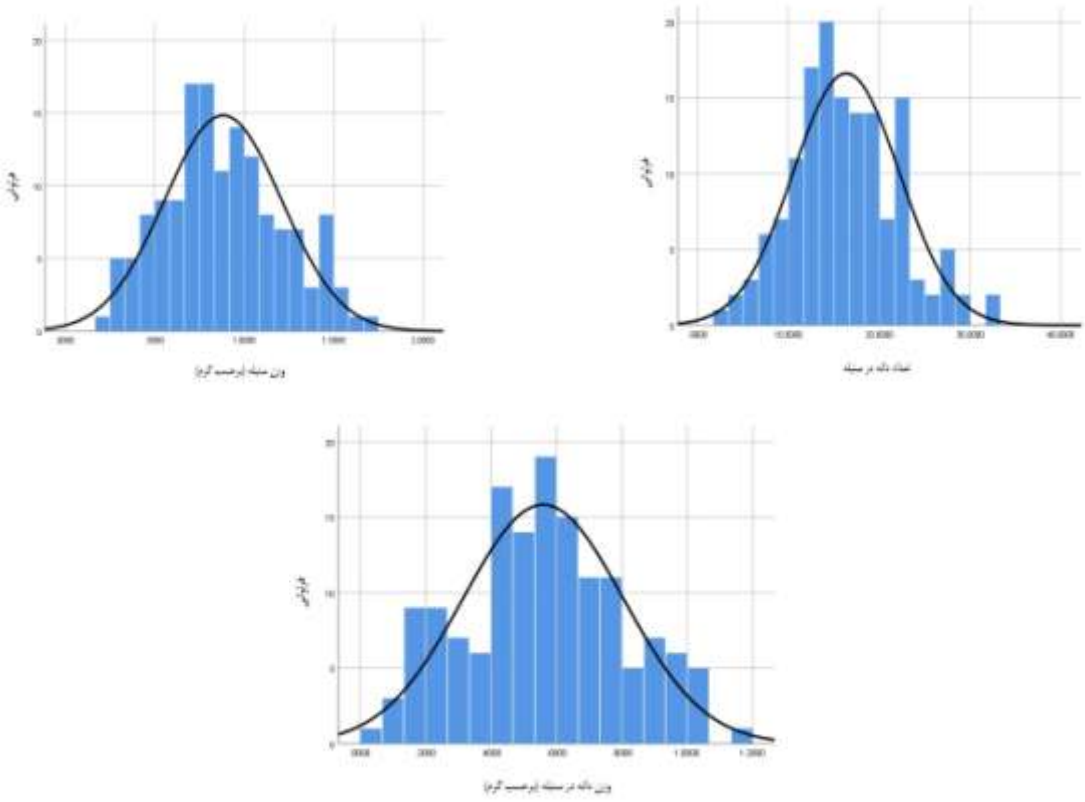
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

جدول ۱- پارامترهای فنوتیپی برای صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

	ارتفاع بوته (cm)	طول پدانکل (cm)	طول سنبله (cm)	طول ریشک (cm)	طول برگ پرچم (cm)	تعداد سنبله	وزن سنبله (gr)	تعداد دانه در سنبله	وزن دانه در سنبله (gr)
Yecora Rojo	۲۹/٦	۱٦/۱۲	۷/٤٥	۳/۹٥	۱۰/۱٥	۱۲/۷٥	۰/٥۹	۹/٥	۰/۲٦
No.49	٦۲/۳	۲۲/٥	٦/۷	۲/۸۲	۱۱/٦۲	۹/۷٥	۰/۷۹	۱۷/۰۰	۰/٥۱
اختلاف والدین	۷۳/٥۸	۲۰/۸٦	۱/۲٦	۰/٤۹۳	۳/٥۷	۲/۷۹	۰/۱۰۷	۳٤/۱٦	۰/۰٦۰
میانگین اینبرد لاین‌های نوترکیب	٤٦/۹۱	۱٥/۰۱	٦/٤٤	۳/٦۲	۸/۸۳	۱۰/۰۷	۰/۸۸	۱٦/۳۳	۰/٥٥
کمینه لاین‌های اینبرد	۲۱/۷٥	۳/۱۰	۳/۸۷	۰/۲٥	٥/۱۷	٥/۷٥	۰/۲٤	۲/۷٥	۰/۰۲۲
بیشینه لاین‌های اینبرد	٦۷/۱۲	۲٦/٦٥	۱۰/۹۰	٥/٦۰	۱٥/۷٥	۱٥/۲٥	۱/٦۸	۳۲/۰۰	۱/۱٦
انحراف استاندارد	۸/٥۷	٤/٥٦	۱/۱۲	۰/۷۰	۱/۸۹	۱/٦۷	۰/۳۲	٥/۸٤	۰/۲٤
چولگی	-۰/۱۷۷	-۰/۰٤۱	۰/۳۲۲	-۰/٤۰٤	۰/۷۷۸	۰/۰٥۹	۰/۲۲۸	۰/۳۱٤	۰/۰۸۳
کشیدگی	-۰/۰٥۳	۰/۲٥۷	۰/٦۸٤	۳/۱۱	۱/۰۷	۰/۱۹۱	-۰/٥۰۹	-۰/۰۹٦	-۰/٥۰۸



[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]



شکل ۱- فراوانی صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی در جمعیت گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی (جدول ۲) با استفاده از نقشه ژنتیکی حاصل از جمعیت لاین‌های اینبرد نوترکیب مورد مطالعه (شکل ۲) انجام شد و تعداد یک QTL برای هر یک از صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، طول ریشک، طول برگ پرچم و تعداد دانه در سنبله، تعداد دو QTL برای تعداد سنبله و وزن دانه در سنبله و سه QTL برای صفت وزن سنبله و در مجموع ۱۳ QTL شناسایی شد. Mahdinejad et al. (2014) و Fakheri and Babaki (2014) در تجزیه QTL صفات مختلف مورفولوژیک با استفاده ازجمعیت‌های دیگر گندم نان، ده‌ها ناحیه واجد QTL شناسایی کردند. برای سیزده QTL شناسایی شده بیشترین و کمترین واریانس فنوتیپی توجیه شده از ٤/٩٣ تا ١٣/٦٣ درصد متغیر بود و مربوط به QTLهای وزن سنبله بودند. Reif et al. (2010) مبنای توصیف یک QTL به‌عنوان QTL بزرگ اثر را توجیه بیش از ۱۰ درصد واریانس فنوتیپی صفت مربوطه در نظر گرفتند. لذا، به غیر از یک QTL شناسایی شده، بقیه QTLها کوچک اثر بودند. هم‌چنین بیشترین و کمترین مقدار آماره LOD متعلق به QTLهای مربوط به وزن سنبله به‌دست آمد. بر اساس نتایج حاصل از آزمایش، تعداد یک QTL برای صفت ارتفاع بوته روی کروموزوم 7B شناسایی شد که در فاصله نشانگری Cfa2174.2 و Wms573 قرار داشت. مقدار LOD این QTL برابر ۲/٤۲ و ۲/۱۷ بود و به‌نام *QPH7B* نام‌گذاری شد. برای صفت طول پدانکل یک QTL بر روی کروموزوم 5A با LOD برابر ۲/۰۳ در محدوده ۸/۳ سانتی‌مورگان شناسایی شد. این QTL با نام *QPL5A* در فاصله نشانگری Gwm304 و Gwm443 قرار داشت و مقدار اثر افزایشی آن برابر ۱/۰۵- بود. مقدار توجیه واریانس فنوتیپی این QTL برابر ۵ درصد بود و الل افزایش‌دهنده این جایگاه از طریق والد No.49 در نتاج به ارث رسیده بود.

Börner et al. (2002) برای طول پدانکل یک QTL روی کروموزوم 6A گزارش کردند که در جمعیت مورد مطالعه در حال تفکیک نبوده است. در این بررسی یک QTL روی کروموزوم شماره 3A برای طول سنبله مکان‌یابی شد. QTL مذکور در بین نشانگرهای 5LTR.2/Sukkula و Wms566 و در موقعیت ٢٢/٦٠

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

سانتی‌مورگان قرار داشت. مقدار اثر افزایشی این QTL برابر ۰/۲۸ و LOD آن برابر ۲/۲۳ بود. مجموع سهم واریانس فنوتیپی توجیه‌شده به‌وسیله QTL مربوط به طول سنبله ٦ درصد بود. Sourdille et al. (2003) یک QTL برای طول سنبله در یک جمعیت دیگر گزارش کردند که روی کروموزوم 2D با نشانگر Xgm261 پیوستگی داشت. هم‌چنین، (Mohammadi et al. 2005) دو QTL بر روی کروموزوم‌های 2D و 6B برای صفت طول سنبله مکان‌یابی کردند که ١٦/٨ درصد تغییرات این صفت را تبیین می‌کردند. بر روی کروموزوم 4A یک QTL برای صفت طول ریشک مکان‌یابی شد. این QTL در موقعیت ۸/۳۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. QTL مکان‌یابی شده در بین دو نشانگر Gwm397 و Barc170 قرار داشت و مقدار اثر افزایشی و LOD آن به‌ترتیب برابر ۰/۱۸ و ۲/۱۱ بود. الل افزایش‌دهنده این جایگاه از طریق والد Yecora Rojo در نتاج به ارث رسیده بود. برای طول برگ پرچم یک QTL روی کروموزوم 3A شناسایی شد که در بین نشانگرهای Gwm2 و Barc45 و در موقعیت ۰/۰۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. این QTL با نام *QFL3A* دارای اثر افزایشی ۰/٤٣ بود و مقدار LOD آن برابر ۲/۰٤ برآورد شد. QTL منفرد فوق ۵ درصد از کل واریانس طول برگ پرچم را توجیه می‌کرد. برای طول برگ پرچم اثر افزایشی مثبت QTLهای مکان‌یابی شده نشان‌دهنده توارث الل مطلوب در این جایگاه از والد Yecora Rojo به نتاج بود. در مطالعه حاضر برای تعداد سنبله دو QTL با نام‌های *QSN2A* و *QSN2D* روی کروموزوم‌های 3A و 2D در موقعیت‌های ١/٦٠ و ۵ سانتی‌مورگان شناسایی شد. Mahdinejad et al. (2014) نیز یک جایگاه واجد QTL برای صفت تعداد سنبله شناسایی کردند.

سه QTL، *QSW3A*، *QSW4A* و *QSW3A* برای صفت وزن سنبله روی کروموزوم‌های 3A، 4A و 3A به ترتیب با اثر افزایشی برابر ۰/۰۷، ۰/۰۷- و ۰/۱۲- شناسایی شد که در موقعیت‌های ۱/۰۰، ۰/۰۰ و ۱۷/۵۰ قرار داشتند و مقدار LOD آن‌ها برابر ۲/۱۳، ۲/۰۱ و ٤/٢٩ بود. از بین سه QTL شناسایی شده برای وزن سنبله، *QSW7D* با بیشترین LOD نسبت به سایر QTLهای انفرادی این صفت و سایر صفات مورد مطالعه قوی‌ترین QTL شناسایی شده بود. افزایش تعداد دانه در سنبله راهکاری قابل توصیه برای افزایش تعداد دانه و شاخص برداشت در گندم می‌باشد. بنابراین، اصلاح سنبله جهت افزایش تعداد سنبلچه و تعداد دانه از طریق به‌نژادی نیاز به درک درستی از ساختار ژنتیکی این صفت دارد (Gaju et al. 2009). در مطالعه حاضر نیز برای صفت تعداد دانه در سنبله یک QTL بر روی کروموزوم 3A با LOD ٣/٠٤ در محدوده ۱۸/۵۰ سانتی‌مورگان شناسایی شد. این QTL با نام *QSNS3A* در فاصله نشانگری Nikita/ISSR5.620 و Gwm666 قرار داشت و مقدار اثر افزایشی آن برابر ١/٦٥- بود.

در این آزمایش دو QTL روی کروموزوم 3A برای وزن دانه در سنبله مکان‌یابی شد. QTLهای مذکور به‌ترتیب در موقعیت ۱/۰۰ و ۱۷/۵۰ سانتی‌مورگان قرار داشت. مقدار اثر افزایشی این QTLها به‌ترتیب برابر ۰/۰۷ و ۰/۰۸- و LOD آن‌ها برابر ۲/۸۹ و ٤/۰۰ بود. نتایج نشان داد که بیشترین اثر افزایشی مثبت و منفی به‌ترتیب مربوط به QTLهای موجود بر روی کروموزوم‌های 7B و 3A برای صفات ارتفاع بوته و تعداد دانه در سنبله بود که الل مربوط به این QTLها به‌ترتیب از والد Yecora Rojo و No.49 به ارث رسیده است. نتایج حاصل از این آزمایش بار دیگر این فرضیه را تقویت کرد که ژن‌ها به‌طور یکسان روی ژنوم توزیع نشده و اکثر ژن‌ها در نواحی خاصی متمرکز هستند (Sourdille et al. 2003). به‌عنوان مثال، QTLهای شناسایی شده برای طول برگ پرچم و وزن سنبله در نقاط مشابه و بین نشانگرهای Gwm2 و Barc45 قرار گرفته بودند که نشان‌دهنده همبستگی بین صفات فوق بود. در این مطالعه اکثریت QTLها برای صفات مورد مطالعه در ژنوم A شناسایی شدند. به‌گونه‌ای که بالای هشتاد درصد QTLها روی ژنوم A قرار داشتند. در این ژنوم نیز اکثر QTLها روی کروموزوم 3A واقع شده بودند. بنابراین، به‌نظر می‌رسد که این کروموزوم نقش تعیین کننده در کنترل صفات طول سنبله، طول برگ پرچم، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله و وزن سنبله داشته باشد. به‌علاوه، نتایج نشان داد که جمعیت حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49 برای شناسایی QTLهای گندم یک جمعیت در حال تفرق مناسب به‌شمار می‌رود. با توجه به این که QTLهای شناسایی شده در این پژوهش با تبیین درصد بالاتری از تغییرات فنوتیپی صفات مورد مطالعه، به‌عنوان QTLهای بزرگ اثری شناخته شدند که نشانگرهای پیوسته با این

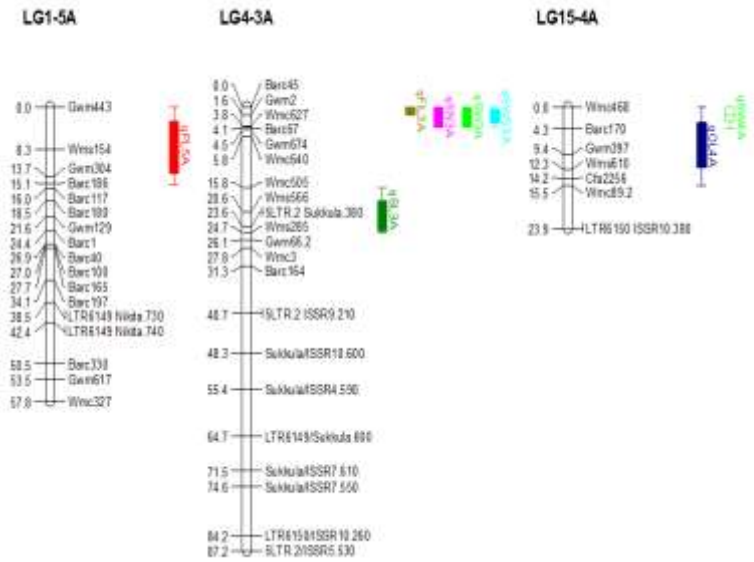
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

QTLها به‌ویژه QTLهای وزن سنبله، تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله در صورت تایید مجدد می‌تواند در گزینش به‌کمک نشانگر و انتقال آلل‌های مطلوب به‌کار گرفته شوند. QTLهای شناسایی شده در این تحقیق باید در توده‌های در حال تفرق یا جمعیت‌های نقشه‌یابی دیگر نیز مورد بررسی قرار گیرند تا اثر زمینه ژنتیکی در بیان QTLها مشخص شود. هم‌چنین، با توجه به احتمال وجود اثر متقابل بین QTL و محیط، پیشنهاد می‌شود، تجزیه QTL در چند سال و مکان صورت گیرد تا اثر متقابل QTLها با محیط نیز مشخص شود.

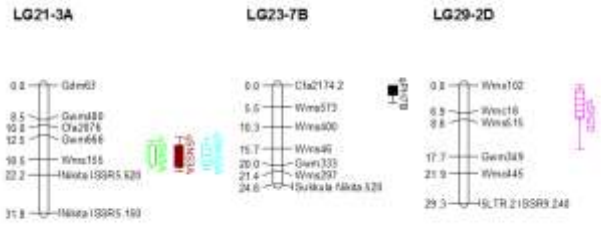
جدول ۲- جایگاه ژنومی QTLهای صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی و نشانگرهای مولکولی پیوسته با آن در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

صفت	کروموزوم	نام QTL	نشانگر راست	نشانگر چپ	موقعیت (cM)	LOD	اثرات افزایشی	R^2 (٪)
ارتفاع بوته	7B	*QPH7B*	Cfa2174.2	Wms573	۰/۰۰	۲/۴۲	۲/۱۷	٦/۲٦
طول پدانکل	5A	*QPL5A*	Gwm304	Gwm443	۸/۳	۲/۰۳	−۱/۰۵	۵/۲۹
طول سنبله	3A	*QSL3A*	5LTR.2/Sukkula	Wms566	۲۲/٦۰	۲/۲۳	۰/۲۸	٦/٤۵
طول ریشک	4A	*QOL4A*	Gwm397	Barc170	۸/۳۰	۲/۱۱	۰/۱۸	٦/۵۳
طول برگ پرچم	3A	*QLL3A*	Gwm2	Barc45	۰/۰۰	۲/۰٤	۰/٤۳	۵/۲٤
تعداد سنبله	3A	*QSN3A*	Wmc627	Barc45	۱/٦۰	۲/۳۲	۰/٤۱	۵/۸۵
	2D	*QSN2D*	Wms102	Wmc18	۵/۰۰	۲/۲۵	٤۷/۷۰	۷/۵۳
وزن سنبله	3A	*QSW3A*	Gwm2	Barc45	۱/۰۰	۲/۱۳	۰/۰۷	۵/۷۰
	4A	*QSW4A*	Barc170	Wmc468	۰/۰۰	۲/۰۱	−۰/۰۷	٤/۹۳
	3A	*QSW3A*	Wms155	Gwm666	۱۷/۵۰	٤/۲۹	−۰/۱۲	۱۳/٦۳
تعداد دانه در سنبله	3A	*QSNS3A*	Nikita/ISSR5.620	Gwm666	۱۸/۵۰	۳/۰٤	−۱/٦۵	۷/۸٦
وزن دانه در سنبله	3A	*QSWS3A*	Gwm2	Barc45	۱/۰۰	۲/۸۹	۰/۰۷	۸/۱۰
	3A	*QSWS3A*	Wms155	Gwm666	۱۷/۵۰	٤/۰۰	−۰/۰۸	۱۲/٤۹



شکل ۲- نقشه پیوستگی نشانگرهای مولکولی مطالعه شده در جمعیت RIL گندم نان حاصل از تلاقی رقم Yecora Rojo و ژنوتیپ No.49

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]



ادامه شکل ۲

سپاسگزاری

از آقایان دکتر بهنام فیروزی دانش آموخته دانشگاه محقق اردبیلی و مهندس آرمین واحدرضایی دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی دانشگاه محقق اردبیلی بخاطر ارائه نظرات سازنده سپاسگزاری می‌شود.

منابع

Börner A, Schumann E, Fürste A, Cöster H, Leithold B, Röder M, Weber W (2002) Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 105:921-936.

Bryan G, Collins A, Stephenson P, Orry A, Smith J, Gale M (1997) Isolation and characterisation of microsatellites from hexaploid bread wheat. Theoretical and Applied Genetics 94:557-563.

Chu CG, Xu S, Friesen T, Faris J (2008)Whole genome mapping in a wheat doubled haploid population using SSRs and TRAPs and the identification of QTL for agronomic traits. Molecular breeding 22:251-266

Cuthbert JL, Somers DJ, Brûlé-Babel AL, Brown PD, Crow GH (2008)Molecular mapping of quantitative trait loci for yield and yield components in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 117:595-608.

Ehdaie B, Mohammadi SA, Nouraein M (2016) QTLs for root traits at mid-tillering and for root and shoot traits at maturity in a RIL population of spring bread wheat grown under well-watered conditions. Euphytica 211:17-38.

Fakheri, B, Babaki A (2014) Mapping genomic regions controlling physiological and morphological traits associated with seedling stage of bread wheat under normal and osmotic stress conditions. Iranian Journal of Field Crop Science 45:119-133.

Falconer D, MacKay T (1996) Introduction to quantitative genetics. Burnt Mill. Harlow, UK: Longman Scientific and Technical.

FAO (2017) FAOSTAT.Agriculture Organization of the United Nations Statistical Database (http://www. faostat. fao. org). Ultima consulta 26.

Gaju O, Reynolds M, Sparkes D, Foulkes M (2009) Relationships between large-spike phenotype, grain number, and yield potential in spring wheat. Crop Science 49:961-973.

Gill KS, Gill BS, Endo TR, Boyko EV (1996) Identification and high-density mapping of gene-rich regions in chromosome group 5 of wheat. Genetics 143:1001-1012.

Hamza H, Asghari A, Mohammadi SA, SofalianO, Mohammadi S, Nouraein M, Khalili M (2019) Mapping main and epistatic QTL and their interaction with environment for traits related to spike characteristics in recombinant inbred lines of spring wheat 8:81-91.

Huang X, CösterH, Ganal M, Röder M (2003) Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics 106:1379-1389.

Ignaciuk A, Mason-D'Croz D (2014) Modelling adaptation to climate change in agriculture.

Kato K, Miura H, Sawada S (2000)Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. Theoretical and Applied Genetics 101:1114-1121.

Li W, Chen Z (2009) Multiple-interval mapping for quantitative trait loci with a spike in the trait distribution. Genetics 182:337-342.

Liu BH (2017) Statistical genomics: linkage, mapping, and QTL analysis, CRC press.

Ma Z, Zhao D, Zhang C, Zhang Z, Xue S, Lin F, Kong Z, Tian D, Luo Q (2007) Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F 2 populations. Molecular Genetics and Genomics 277:31-42.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]

Mahdinejad N, Omidi M, Jalalkamali M, Naghavi M, Fakheri B (2014) QTL analysis of some phenological and morphological traits in Babax and Seri M82 recombinant inbred line population of wheat during salinity stress 9:207-218.
Marza F, Bai GH, Carver B, Zhou WC (2006) Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840× Clark. Theoretical and Applied Genetics 112:688-698.
Mohammadi V, Ghanadha M, Zali A, Yazdi Samadi B, Byrne P, (2005) Mapping QTLs for morphological traits in wheat. Iranian Journal of Agricultural Science 36:145-157.
Reif JC, LiuW, Gowda M, Maurer HP, Möhring J, Fischer S, Schechert A, Würschum T (2010) Genetic basis of agronomically important traits in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) investigated with joint linkage association mapping. Theoretical and Applied Genetics 121:1489-1499.
Röder MS, Plaschke J, König SU, Börner A, Sorrells ME, Tanksley SD, GanalMW (1995) Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Molecular and General Genetics MGG 246:327-333.
Sourdille P, Cadalen T, Guyomarc'h H, Snape J, PerretantM, Charmet G, Boeuf C, Bernard S, Bernard M (2003) An update of the Courtot× Chinese Spring intervarietal molecular marker linkage map for the QTL detection of agronomic traits in wheat. Theoretical and Applied Genetics 106:530-538.
Tautz D, Trick M, Dover GA (1986) Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. Nature 322:652-656.
Xie D, Devos K, Moore G, Gale M (1993) RFLP-based genetic maps of the homoeologous group 5 chromosomes of bread wheat (Triticum aestivum L.). Theoretical and Applied Genetics.
Zeng ZB (1994) Precision mapping of quantitative trait loci. Genetics 136:1457-1468.
Zohary D, Hopf M (2000) Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley, Oxford University Press.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.3.5]